El principio y el fin de la crisis del coronavirus

Dr. Stefan Lanka

Articulo original en alemán:

https://wissenschafftplus.de/uploads/article/wissenschafftplus-fehldeutung-virus-teil-2.pdf

La definición del SARS y del coronavirus o covid-19 significa que se considera que la neumonía atípica es el cuadro clínico que caracteriza a la enfermedad. Si se pueden detectar patógenos conocidos en la neumonía, ésta se considera típica, si no atípica. Uno de los dos hechos decisivos para el SARS y la crisis del coronavirus es que al menos el 20-30% de todas las neumonías son atípicas. Las causas de la neumonía atípica son claramente conocidas y por lo tanto NO deben presentarse como la causa de un virus desconocido.

Este hecho es suprimido por los infectólogos y virólogos y es la base del miedo y el pánico actuales, porque se crea la impresión entre los afectados, el público y los políticos de que la neumonía atípica sería especialmente peligrosa y a menudo mortal porque todavía no hay medicamentos ni vacunas para la supuesta nueva enfermedad.

Desde el momento en que se ofrece un procedimiento de prueba para el supuesto nuevo virus, que, oculto por los implicados, también prueba "positivamente" a personas sanas, el número de casos aumenta automáticamente. Inicialmente, las personas con neumonía típica también serán examinadas, luego más y más personas con otras enfermedades.

Esto se considera una prueba práctica de la propagación del virus. Automáticamente, más y más otras enfermedades se añaden a la enfermedad original "neumonía atípica" y este "síndrome" se muestra como "la nueva enfermedad viral".

El otro hecho decisivo, no sólo para el SARS y la crisis del coronavirus, es que los virólogos que afirman que los virus causantes de la enfermedad suprimen una situación fáctica abiertamente mentirosa por razones comprensibles.

El método de prueba de virus que se ofrece es un método de detección genética. No aíslan de un virus las secuencias de genes que utilizan para la prueba de detección. Aíslan secuencias genéticas típicas que se liberan en mayores cantidades cuando los tejidos y las células mueren. Estas secuencias genéticas, generalmente cortas, componentes del metabolismo humano, constituyen la base para el trabajo de laboratorio posterior.

Sin embargo, con la ayuda de programas informáticos, los virólogos sólo pueden construir mentalmente largas cadenas de material genético a partir de muchas secuencias cortas de genes. Estas son entonces producidas como verdaderas cadenas de ADN viral. Esta es la razón por la que los resultados positivos de las pruebas se obtienen repetidamente incluso en individuos sanos probados.

Para evitar refutarse a sí mismos, estos virólogos ignoran constantemente dos reglas prescritas por la ciencia. Uno es verificar sistemáticamente todas las afirmaciones por sí mismas. La otra es probar todos los supuestos y métodos utilizados mediante experimentos de control.

Si realizaran los experimentos de control, descubrirían que TODAS las secuencias genéticas cortas que sólo unen mentalmente para formar una cadena genética viral se originan en el metabolismo humano y no en el exterior, de un supuesto virus.

El impulso de la crisis del coronavirus fue desencadenado por un mensaje de un joven oftalmólogo el 30/12/2019 en Internet, que se difundió inmediatamente y muy rápidamente. Dijo a sus amigos que varias personas estaban en cuarentena en su hospital, se confirmaron siete casos de SARS, que se cuidaran y protegieran.

El profesor Christian Drosten, de la Charité de Berlín, se enteró de ello e inmediatamente comenzó a elaborar procedimientos de prueba para los virus del SARS antes de que estuviera claro y pudiera determinarse si el informe de China sobre el SARS era verdadero y estaba probado, y especialmente antes de que los virólogos chinos publicaran sus resultados.

Los virólogos autorizados de la Comisión de Control de Enfermedades de China (CCDC) publicaron sus resultados el 24 de enero de 2020 y el 3 de febrero de 2020.

Informan sobre el aislamiento de muchas secuencias genéticas cortas, que, cuando se ensartan, podrían representar una cadena genética de un nuevo tipo de virus. Los autores señalan expresamente -y todos los demás virólogos

implicados hasta la fecha- que aún no se han realizado los experimentos absolutamente necesarios que permitan afirmar que se trata efectivamente de una cadena genética de un virus causante de enfermedades.

Al contrario: los virólogos chinos incluso señalan explícitamente que la cadena genética construida tiene hasta un 90% de similitud con las cadenas genéticas de los inofensivos y decenios de antigüedad, reivindicados corona virus en los murciélagos.

El 21/01/2020 (3 días antes de la primera publicación de la CCDC!) la OMS recomendó a todas las naciones usar el procedimiento de prueba desarrollado por el Prof. Drosten. Al afirmar que había desarrollado un procedimiento de prueba fiable para el virus, que se está extendiendo rápidamente en China, el profesor Drosten, haciendo caso omiso de las normas claramente definidas de la labor científica, que forman parte de su contrato de trabajo, y violando las leyes del pensamiento y la lógica de la virología, ha desencadenado y causado el aumento y la globalización del pánico epidémico chino.

1. El comienzo de la crisis del Coronavirus

Cuando el joven oftalmólogo Li Wenliang informó a siete médicos de Wuhan a través de WhatsApp el 30/12/2019 de que varias personas estaban en cuarentena en su hospital, se habían confirmado siete casos de SARS, que debían tener cuidado y protegerse, no tenía la intención de causar pánico.

Si lo hubiera hecho, habría publicado el anuncio en Internet y advertido al público. Uno de los siete destinatarios de este mensaje privado de WhatsApp publicó una "captura de pantalla", es decir, una foto del mensaje, en Internet sin ser consciente de las posibles consecuencias. Por supuesto, esta información se difundió muy rápidamente dentro de China y luego en todo el mundo.

Este mensaje desencadenó una ola de temor, pánico e indagaciones a las autoridades sanitarias chinas y al gobierno debido al pánico causado por una crisis de SARS en 2003, que la Organización Mundial de la Salud (OMS) clasificó como "amenaza mundial" el 12 de marzo de 2003.

En consecuencia, el Gobierno de Beijing envió una "fuerza de reacción rápida" integrada por epidemiólogos y virólogos del Centro de Control de Enfermedades de China a Wuhan el 31 de diciembre de 2019 para apoyar a las autoridades sanitarias locales y a la provincia circundante de Hubei. El objetivo era comprobar y verificar las afirmaciones de un brote de una epidemia. Si efectivamente se hubiera producido un brote, la situación debería controlarse adecuadamente.

En la primera publicación autorizada de los autores del CCDC sobre los resultados de su investigación, "A New Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019", no se informa de una acumulación de pacientes con neumonía de causa desconocida.

Informan que los pacientes encontrados pueden ser agrupados en un "grupo", un grupo con características comunes. La característica común era la visita más o menos frecuente de un mercado mayorista de mariscos en Wuhan. Lo pequeño que era el grupo de pacientes con neumonía atípica puede verse por el hecho de que el CCDC de sólo cuatro pacientes tomó frotis y líquidos del tracto respiratorio inferior para buscar patógenos conocidos y desconocidos.

Mientras tanto, el pánico en Wuhan y sus alrededores aumentó extremadamente. Ni siquiera las medidas adoptadas por la policía, que el 3 de enero de 2020 pidió al oftalmólogo Li Wenliang que se comprometiera por escrito firmando una declaración punible de cese y desistimiento para no difundir nada más sobre un posible brote de SARS, pudieron frenar la dinámica de pánico que se había desarrollado y que empeoraba peligrosamente.

El 10.1.2020 Wenliang, y poco después también sus padres, desarrollaron los síntomas de la neumonía. Li Wenliang se aisló porque estaba convencido de que había sido infectado con el virus del SARS el día anterior de un paciente ocular. Esto también aumentó el pánico.

Los doctores que lo atendieron realizaron un gran número de pruebas diferentes, todas las cuales resultaron negativas. A medida que su estado de salud se deterioraba y cada vez más personas mostraban la simpatía del público por su destino, las pruebas se continuaron hasta que una primera prueba de SARS, el 30/01/2020, se consideró "positiva". El desastre del creciente pánico del SARS, que mutó en la crisis mundial del coronavirus, siguió su curso.

Li Wenliang difundió este resultado en Internet con las siguientes palabras: "Hoy las pruebas de ácido nucleico han dado un resultado positivo, el polvo se ha asentado, finalmente diagnosticado”.

Este anuncio aumentó el pánico ya existente. Todo se descontroló por completo cuando publicó su declaración firmada de cese y desistimiento del 3.1.2020 en Internet. Esta publicación de su declaración de cesación, que era peligrosa para

él, fue y sigue siendo considerada por todas las personas presas del pánico como prueba de que hay una nueva epidemia de SARS, porque un médico, que a su vez está afectado, sigue informando y advirtiendo al público a pesar de la amenaza de sanciones.

El pánico aumentó aún más porque la salud de Li Wenliang se deterioró a pesar del uso intensivo de una variedad de sustancias antibióticas y el público participó regularmente en esto. La situación estaba al borde de la escalada porque el informe de su muerte fue más que caótico y contradictorio.

Esta fue y sigue siendo la razón central por la que el público chino y mundial asumió que se había producido otro brote de SARS en Wuhan, pero que se había redefinido como una nueva epidemia, una pandemia con un nuevo nombre, Covid-19.

2. Una, de dos posibles causas del miedo de Li Wenliang

El temor del oftalmólogo Li Wenliang se basa en los acontecimientos de 2003 en China, cuando los científicos occidentales afirmaron que se había producido una acumulación de neumonía atípica en el sur de China. Dos días después de la creación mental de una cadena genética del supuesto nuevo virus (SARS-CoV-1), en la que el Prof. Drosten estuvo significativamente involucrado, el Prof. Drosten ofreció un supuesto procedimiento de prueba para este supuesto virus.

Aproximadamente 800 personas con neumonía atípica, es decir, neumonía en la que no se detectan patógenos conocidos, pero que resultó "positiva" con la prueba del Prof. Drosten, murieron por lo tanto -posiblemente de forma incorrecta y sobretratada- con el diagnóstico de SARS en lugar de "neumonía atípica".

La base de que el temor al SARS se mantuvo y aumentó hasta 2019 son dos publicaciones en 2013 y 2017, que dieron lugar a especulaciones sobre la posibilidad de que aparecieran nuevos coronavirus del SARS. Los autores de ambas publicaciones afirman que los murciélagos sanos proporcionan pruebas de la existencia de secuencias genéticas cortas que pueden ser interpretadas como componentes de un virus.

Estas secuencias genéticas cortas tendrían similitudes con las secuencias genéticas cortas que se declararon como componentes del supuesto coronavirus del SRAS-1 (SARS-CoV-1) en 2003.

SARS significa Síndrome Respiratorio Agudo Severo, que es otra descripción de los síntomas de la neumonía atípica.

Se dice que estas hebras genéticas mentales (ficticias) (transformadas en realidad) son capaces de desarrollarse en la realidad y formar un virus real. Este virus, que se afirma en murciélagos y otros animales salvajes pero que sigue siendo inofensivo, podría saltar a los humanos a través de la mordedura, el contacto o el consumo y convertirse en un asesino mortal.

En los seres humanos, este inofensivo virus podría, a través de cambios (mutaciones), convertirse en un coronavirus del SARS que es realmente nuevo y podría causar una enfermedad. Tal acontecimiento y la consiguiente oleada de enfermedades, como la neumonía atípica, deben esperarse en cualquier momento.

Hasta la fecha, los virólogos no han podido aislar un virus del SARS de un paciente, un murciélago, otro animal o en el laboratorio, ni han podido detectar una cadena genética intacta y completa de un virus del SARS. Hasta la fecha no se ha podido confirmar la suposición de los virólogos de que existen de hecho cadenas genéticas virales que están construidas de la misma manera que las cadenas genéticas compuestas de secuencias genéticas cortas.

Hay otras formas en que aún no se ha demostrado la existencia y la presencia de una cadena genética completa de un virus del SARS, aunque desde hace mucho tiempo se dispone de técnicas estándar muy sencillas para determinar la longitud de las secuencias genéticas.

Los temores alimentados masivamente por tales afirmaciones falsas fueron la base de los temores del oftalmólogo Li Wenliang, así como de otros médicos e infectólogos no sólo en Wuhan.

Estas alegaciones son la razón por la que los epidemiólogos y virólogos de la CCDC, a partir del 31 de diciembre de 2019, se centraron en encontrar secuencias de genes similares que se definieron como componentes del coronavirus del SARS en 2003 (véanse las explicaciones que figuran a continuación).

3. La segunda de las posibles causas de miedo de Li Wenliang

Las crisis del SARS y del Coronavirus comenzaron con la afirmación en los medios de comunicación de que hay una acumulación de pacientes con neumonía atípica. Esta alegación nunca fue corroborada. Sólo se afirmó que la neumonía atípica que se produjo podía explicarse por la suposición de la aparición de un nuevo virus, porque algunas de las personas con neumonía atípica tenían contacto con los mercados de animales.

Para poder confirmar la suposición de que un virus desconocido podría ser la causa de la neumonía atípica, se suprimieron los hechos conocidos descritos en la literatura médica y científica. De hecho, hay varios y amplios espectros de causas no infecciosas de neumonía atípica. Por varias razones, esta neumonía atípica tiene más probabilidades de ser mortal que la típica.

Las causas son, entre otras, la inhalación de vapores, disolventes y sustancias tóxicas. La entrada de alimentos, bebidas o contenidos estomacales en los pulmones en caso de dificultades para tragar o de pérdida del conocimiento también puede causar una neumonía extremadamente grave (neumonía por aspiración).

El agua por sí sola es suficiente si entra en los pulmones de las personas que se están ahogando para causar una neumonía atípica grave. Otra causa es el reconocido espectro de disfunciones inmunológicas, como las alergias y las reacciones auto-inmunes. También se sabe que la radiación desencadena una inflamación de los pulmones en el cáncer, que no puede distinguirse de la típica neumonía.

La neumonía congestiva es particularmente conocida en las personas mayores. Éstas se desarrollan debido a la retención de agua (edema), a la permanencia prolongada en cama, a la debilidad del corazón y/o de los riñones, que puede conducir a una ventilación y circulación sanguínea inadecuadas en los pulmones, y como consecuencia directa de la inflamación de los pulmones, es decir, de la neumonía atípica.

Lógicamente, una combinación de causas subyacentes también causa neumonía atípica. Una neumonía atípica puede convertirse rápidamente en una neumonía típica si se produce una colonización secundaria del pulmón inflamado. Esta es la razón por la que el porcentaje de neumonía atípica es probablemente más alto que el 20-30% estimado.

En los estudios de las cinco personas documentadas en las dos publicaciones pertinentes a la crisis del coronavirus , no se investigaron la posible presencia o la historia, los signos, los mecanismos y los efectos de estas causas conocidas de la neumonía atípica. Los virólogos no suelen hacerlo de todos modos, y los miembros de la CCDC no pudieron hacerlo ni siquiera en las circunstancias de pánico.

Excluir la mención de la neumonía atípica demuestra una grave negligencia médica e impide el tratamiento correcto de los pacientes. Por consiguiente, los afectados corren el riesgo de que se les manipule mal con un cóctel de sustancias antibióticas ricas en efectos secundarios, que es capaz de causar independientemente la muerte de los pacientes, especialmente en caso de sobredosis. El pánico puede ser incluso fatal en muy poco tiempo, no sólo en el caso de problemas cardiovasculares.

La respuesta a la pregunta crucial de si se ha detectado realmente un nuevo virus o si sólo se emiten piezas cortas y endógenas de material genético como componentes de un virus o se interpretan erróneamente como tales, es decisiva para que la crisis del coronavirus pueda terminar rápidamente. Al igual que con el H1N1, los responsables de la crisis del coronavirus dicen que sólo se puede acabar con la vacunación. Sin embargo, la idea de la vacunación ha sido refutada tanto como la de los virus.

Para la evaluación y clasificación de los acontecimientos que rodearon el desencadenamiento y el mantenimiento de la crisis del coronavirus es útil el recuerdo de la pandemia de gripe porcina de 2009, que ya ha sido olvidada.

La mayoría de la población en ese momento estaba preparada para vacunarse contra los supuestos virus de la gripe porcina. Luego hubo un retraso en la entrega anunciada de las vacunas. Las vacunas no podían llenarse en jeringas listas para usar, ya que los nuevos potenciadores de ingredientes activos utilizados por primera vez dañaban la mezcla de la vacuna y la inutilizaban. Por esta razón, la vacuna se llenó en ampollas para 10 personas cada una, a las que sólo se permitió añadir los potenciadores de la sustancia activa poco antes del acto de vacunación.

Durante este tiempo se supo que los potenciadores del principio activo, llamados adyuvantes, sin los cuales una vacuna no podría desarrollar su efecto, son novedosos y no han sido probados. Se supo que estos novedosos amplificadores de drogas consisten en nanopartículas. Se sabe que las nanopartículas son muy reactivas debido a su diminuto tamaño y, por lo tanto, se utilizan como catalizadores en muchas reacciones químicas.

En los procesos técnicos, por ejemplo, hacen que las superficies se comporten de forma completamente diferente a la que se puede conseguir con los métodos convencionales. Entonces se supo que la Canciller alemana Angela Merkel y

las Fuerzas Armadas alemanas iban a recibir esta vacuna pero sin el novedoso potenciador de sustancias activas de nanopartículas, mientras que la policía y la población iban a recibir la vacuna con las nanopartículas no probadas.

Como resultado, el 93% de la población rechazó la vacuna producida para ellos. Sólo al 7% de los alemanes se les ha administrado esta vacuna.

El metabolismo humano no puede metabolizar y excretar nanopartículas. Debido a esta negativa por parte de casi toda la población, la gripe porcina en realidad desapareció de la noche a la mañana siguiente, como por arte de magia, de los medios de comunicación al basurero y las vacunas al alto horno.

(Se permite una pequeña polémica: sorprendentemente, el virus de la gripe porcina H1N1 despegó al galope de los cerdos, ya no infectó a otras personas, no enfermó a los infectados y su presencia en los medios de comunicación se detuvo inmediatamente. Tal vez el virus de la gripe porcina se ha convertido en virus de la gripe de los peces, para nadar por los ríos en los cuerpos de los salmones, sólo para atacar de nuevo con fuerza concentrada en el mercado de pescado en Wuhan :-)

Los epidemiólogos, infectólogos y virólogos implicados han aprendido del fracaso de la planificación de la pandemia, que no culminó con la vacunación. Analizaron las causas y publicaron sus conclusiones y recomendaciones para el futuro en el número 12 de diciembre de 2010 del Bundesgesundheitsblatt. El significativo título de este número: "Pandemias. Lecciones aprendidas" Lo que significa tanto como: Las lecciones que hemos aprendido de la debacle de la gripe porcina H1N1!

Algunos de los artículos de este número están disponibles en Internet , pero no los más importantes. Las principales recomendaciones para la gestión de la pandemia son:

- Asegurarse de que los expertos no se contradigan entre sí en los debates públicos.
- Participación temprana de los medios de comunicación social y de los líderes. - Control de la red Internet. Esto con el fin de evitar que las reivindicaciones y las críticas pongan en peligro el consenso y la aceptación de las medidas en la política y la sociedad.

¡Estas recomendaciones ya se han aplicado con éxito! Se censura en Internet, se excluye a los críticos con insultos, entre otras cosas. Los argumentos obligatorios que refutan la suposición de la pandemia y que han pasado al dominio público simplemente no se abordan. Sólo un experto, el Prof. Drosten, es escuchado en los medios y en la política. La única "crítica" que se le hizo, expresada por un virólogo especializado en VIH, tuvo la función de reforzar la afirmación central de la existencia de un nuevo virus, el SARS-CoV-2.

4. La globalización del pánico por el virus chinos del SARS y la creación de la crisis del coronavirus por el Prof. Drosten

El profesor Christian Drosten, de la Charité de Berlín, afirma que desde el 1/01/2020 ha desarrollado un método de detección genética con el que puede detectar con fiabilidad la presencia del nuevo coronavirus en los seres humanos.

Para a) poder comprender qué supuestos y qué acciones constituyen la base de las afirmaciones del Prof. Drosten y b) comprobar si sus conclusiones de haber desarrollado un procedimiento de prueba seguro para el nuevo coronavirus están lógica y científicamente probadas o no, o incluso refutadas, es necesario explicar los términos y técnicas utilizadas, presentar su argumentación y analizar las dos publicaciones decisivas a las que se refiere el Prof. Drosten.

¿Cómo se definen un virus y un coronavirus?

¿Cómo se definen las secuencias en este contexto? - ¿Cómo funcionan los métodos de detección de secuencias llamadas PCR, RT-PCR y RT-PCR en tiempo real?

¿Cuándo se puede emitir la detección de la presencia de secuencias en humanos como prueba de la presencia de un virus?

¿Cómo se demuestra científicamente la existencia de un virus?

Términos

- En la ciencia, un virus se define por su material genético específico, que es único para ese virus.

- El material genético de un virus también se conoce como la cadena genética viral, la molécula genética viral o su genoma. - El material genético viral de un virus contiene las distintas secuencias genéticas para la formación de las distintas proteínas virales, conocidas como genes virales.

- El material genético de un virus puede consistir en ADN o ARN.

- Los corona virus se definen por el hecho de que consisten en una molécula específica de ARN rodeada por una envoltura.

- El material genético de un determinado virus se define por su longitud determinada con precisión y la determinación exacta de la estructura de la cadena del genoma viral.

- La composición del material genético de un virus resulta de la determinación exacta del número y la secuencia específica de los cuatro bloques de construcción que componen un material genético. Los cuatro bloques de construcción de un material genético se llaman nucleótidos. - El proceso de determinar la secuencia específica de los cuatro componentes básicos de un material genético se denomina secuenciación.

- El resultado de la determinación de la secuencia de los componentes básicos de una sustancia hereditaria se denomina secuencia o secuencia genética.

- Los virus patógenos se definen por el hecho de que su secuencia es única y no se da en organismos sanos. - Para detectar y determinar la presencia del material genético de un virus, de acuerdo con las leyes del pensamiento y la lógica que precede a toda ciencia como regla fundamental, este virus debe ser aislado y estar presente en forma pura para que las secuencias de genes que no son específicas de la célula puedan ser utilizadas como componentes de una el virus pueden ser mal interpretadas.

- Sólo es posible determinar la secuencia de una sustancia genética si está presente en forma de ADN. - Para determinar la secuencia de una sustancia genética que está presente en forma de ARN, primero debe ser convertida bioquímicamente en ADN.

- El proceso de conversión de una sustancia genética de ARN en ADN se denomina "transcripción inversa" y se abrevia como "RT".

Las técnicas utilizadas por el Prof. Drosten y las primeras conclusiones

- La presencia y la longitud de un material genético se determina separándolo longitudinalmente en un campo eléctrico. Los trozos cortos migran más rápido, los más largos más lentamente. Al mismo tiempo, para determinar la longitud del material genético a examinar, se añaden piezas de material genético de longitud conocida de diferentes longitudes. Esta fiable técnica estándar para detectar y determinar la longitud del material genético se llama "electroforesis en gel".

- Si la concentración de un determinado material genético es demasiado baja para ser detectada por la técnica de "electroforesis en gel", puede ser multiplicada a voluntad por la técnica de multiplicación ilimitada de ADN, llamada reacción en cadena de la polimerasa. De esta manera, el ADN indetectable puede hacerse visible en la electroforesis en gel. Este es un requisito previo para hacer accesible el material genético para investigaciones posteriores, especialmente para la posterior determinación decisiva de su longitud y secuencia. Este método también se conoce como PCR para abreviar.

El inventor de la técnica de PCR, Karry Mullis, que fue galardonado con el Premio Nobel de Química en 1993 por esto, señaló desde el principio que este, su método desarrollado para el análisis en sala blanca en las fábricas de chips de ordenador, es muy propenso a errores. En su discurso del Premio Nobel, que está documentado en la página del Comité del Premio Nobel, también señaló que no hay ninguna prueba verificable, en realidad científica, de que la sustancia genética conocida como genoma del VIH desencadene realmente una inmunodeficiencia o una de las diversas enfermedades que se agrupan de manera inadmisible bajo el término "SIDA" y se tratan con quimioterapia altamente tóxica. Señaló que sólo hay consenso entre los científicos participantes en que el "VIH" desencadenaría una inmunodeficiencia.

Para poder reproducir un ADN con la técnica de PCR, se requiere el conocimiento de la composición, la secuencia del ADN. Esto se debe a que un ADN sólo puede propagarse por PCR si fragmentos cortos de genes producidos artificialmente se unen al principio y al final del ADN, que corresponden exactamente a la secuencia del principio y del final del ADN que se va a propagar. Estos cortos trozos de ADN producidos artificialmente se llaman, por lo tanto, primers, las moléculas iniciadoras de la PCR. Tienen una media de entre 24 y 30 nucleótidos de largo (los bloques de construcción del material genético).

Así pues, la PCR no puede utilizarse para detectar secuencias desconocidas o virus desconocidos. Sólo la determinación de la secuencia de un virus permite desarrollar una prueba de PCR para la detección de la secuencia de un gen originado en un virus. - En los primeros días de la PCR, sólo era posible determinar la cantidad de ADN amplificado mediante electroforesis en gel después de que se hubiera detenido la reacción de amplificación de la PCR. Mientras tanto, se añaden ciertos colorantes a las enzimas y sustancias necesarias para la PCR. La detección de estos tintes durante el curso de la PCR muestra aproximadamente qué concentraciones de ADN reproducido artificialmente se produjeron y cuánto ADN estaba realmente presente aproximadamente al comienzo de la PCR. Dado que la cantidad de ADN producido artificialmente puede determinarse aproximadamente mientras la técnica de PCR sigue funcionando, esta extensión de la técnica de PCR se denomina "PCR en tiempo real". Por lo tanto, una "PCR en tiempo real" que va precedida de otro paso, la conversión de ARN en ADN mediante "transcripción inversa" (RT), se denomina "RTPCR en tiempo real".

- El Prof. Drosten utiliza la técnica de "RT-PCR en tiempo real" en la prueba que ha desarrollado para la detección del nuevo virus corona. Con ese fin, ha seleccionado secuencias genéticas cortas de un conjunto de datos de Internet del 1/01/2020 que se atribuyen a los virus del SARS. Sobre la base de esas secuencias de fragmentos genéticos cortos, que se interpretan como posibles componentes de los virus del SARS, diseñó las secuencias de cebadores de la PCR decisivas para la PCR a fin de detectar el virus "todavía" desconocido en China con su "RT-PCR en tiempo real".

Cuando aparecieron en Internet compilaciones preliminares de secuencias el 10/01. y el 12/01/2020, que posteriormente fueron modificadas y publicadas el 24/01/2020 y el 3/02/2020, esto representó el resultado de los dos primeros intentos de identificar el virus aún desconocido. Con este fin, los virólogos de la CCDC usaron programas de computadora para ensamblar teóricamente las secuencias de fragmentos cortos de genes en una posible cadena genética.

En ambas publicaciones, los virólogos de la CCDC afirman que no hay evidencia de que estas sugerencias de secuencias puedan realmente causar enfermedades. El 10/01. y el 12/01/2020, las propuestas de secuencias chinas eran todavía provisionales y no se habían sometido todavía al estricto proceso de revisión prescrito científicamente.

El hecho de que la Organización Mundial de la Salud (OMS) recomiende la prueba de detección PCR desarrollada por el Prof. Drosten para la detección del nuevo virus el 21/01/2020, incluso antes de la publicación de las publicaciones de las dos primeras propuestas de secuencias chinas, demuestra un primer hecho: El Prof. Drosten utilizó datos no verificados científicamente para su prueba de PCR rápidamente globalizada del 2019-nCoV, que fue rebautizada como SARS-CoV-2 el 7 de febrero de 2020 con la participación del Prof. Drosten.

El cambio de nombre el 7 de febrero de 2020 de la designación de "nCoV" a "SARS-CoV-2", una mera presunción de virus posiblemente defectuoso o inofensivo, en un patógeno peligroso, dio a la opinión pública la impresión de que se había descubierto un virus real del SARS en China, que causa una enfermedad peligrosa, a saber, el SARS, y mató al nuevo ídolo de China, Li Wenliang, que empequeñeció a la dirección del partido.

El Prof. Drosten y sus colegas del Grupo de Nomenclatura de Virus cumplieron así las expectativas de la población, que estaba aterrorizada hasta la médula: "finalmente diagnosticado", "finalmente diagnosticado". Esta expectativa fue despertada por el impulso del pánico masivo desencadenado por el Dr. med. Li Wengling y aparentemente cumplido por el Prof. Drosten.

El factor decisivo en la evaluación de este acto es el hecho de que en aquel momento todos los virólogos directamente implicados testificaron -y todavía testifican hoy- que no hay pruebas de que este nuevo virus cause realmente la enfermedad. ¿O sólo ocurre en paralelo en enfermedades, en procesos de curación, después de procesos de curación, en algunas personas sanas, en muchas personas sanas o en todas las personas?

Esto demuestra que el Prof. Drosten ha cruzado la línea claramente reconocible de la acción científicamente justificada en un fraude reconocible y trascendental. También no podrá salir de esto utilizando una revista para la publicación de su procedimiento de prueba el 23/01/2020 que no comprueba las declaraciones hechas en ella antes de ir a la imprenta.

5. las preguntas decisivas para un rápido final de la crisis del Coronavirus

La cuestión central y decisiva es si el Prof. Drosten ha cumplido con su deber científico, que forma parte de su contrato de trabajo, consigo mismo y verifica sistemáticamente todas las afirmaciones hechas en su publicación sobre el método de detección que desarrolló y las declaraciones públicas basadas en él.

Este deber científico central da lugar a tres preguntas centrales:

¿Comprobó el Prof. Drosten si las secuencias de genes que forman la base de su procedimiento de prueba y que le fueron proporcionadas por virólogos chinos son en realidad secuencias que se originan en un virus?

¿Llevó a cabo el Prof. Drosten los experimentos de control que son obligatorios en la ciencia y que prueban si las secuencias que utilizó realmente se originan en un virus? ¿Llevó a cabo los experimentos de control que prueban si las secuencias que utiliza, que atribuye al nuevo virus, son en realidad secuencias que no son secuencias que se producen en todos los metabolismos, tal vez incluso en plantas, como las papayas de Tanzanía o que se producen en mayor número en el metabolismo de las enfermedades?

¿En base a qué suposiciones, experimentos y controles puede el Prof. Drosten afirmar que su método de prueba, con el que sólo detecta áreas parciales de 2 (dos) genes del genoma de un total de 10 (diez) genes del coronavirus, detecta un virus completo, activo y causante de la enfermedad? ¿Y no sólo fragmentos de un virus, después de una supuesta batalla exitosa del sistema inmunológico o la presencia de virus "defectuosos" o "incompletos" o "inofensivos" en nuestro material genético, que son típicos y constituyen el 50% de las masas genéticas de nuestros cromosomas?

Las respuestas son el resultado de la realización documentada del Prof. Drosten durante el desarrollo del procedimiento de la prueba y de la no realización documentada del Prof. Drosten hasta hoy. El virólogo Prof. Drosten, que desarrolló el método de detección del nuevo coronavirus (primero llamado 2019-nCoV y luego, a partir del 7/02/2020 llamado SARS-CoV-2), describe el desarrollo del método de prueba en una publicación publicada el 23/01/2020 en la página 3 de este artículo, en la columna de la izquierda, a 8 líneas de distancia, describe el primer y decisivo paso de su enfoque:

"Antes del anuncio público de las secuencias del virus de 2019-nCoV, nos basamos en los informes de los medios de comunicación social que anunciaban la detección de un virus similar al SARS. Por lo tanto, asumimos que un CoV relacionado con el SARS estuvo involucrado en el brote".

Esto significa que el Prof. Drosten y sus colaboradores han asumido, basándose en los informes de los medios de comunicación social, que un coronavirus relacionado con el SARS podría estar implicado en el supuesto brote de neumonía atípica. En ese momento no se disponía de datos clínicos que apoyaran esa hipótesis. ¿Cuál era su siguiente paso?

"Descargamos todas las secuencias completas y parciales (longitud media >400 nucleótidos) de virus relacionados con el SARS que estaban disponibles en el GenBank el 1 de enero de 2020."

Continúa en la columna derecha de la página 3, tercera fila desde la parte superior:

*"Alineamos estas secuencias [**Nota mía, SL: contra una secuencia estándar dada del virus del SARS**] y utilizamos las secuencias alineadas para desarrollar nuestras pruebas (Figura S1 en el suplemento de esta publicación).*

"Tras la publicación de la primera secuencia de 2019 nCoV en virological.org, seleccionamos tres pruebas basadas en lo bien que se ajustaban al genoma de 2019 nCoV (Figura 1). ("Descargamos todas las secuencias completas y parciales (si >400 nt) de virus relacionados con el SARS disponibles en el GenBank antes del 1 de enero de 2020 [... .] Estas secuencias fueron alineadas y la alineación se utilizó para el diseño del ensayo (Figura suplementaria S1). Tras la publicación de la primera secuencia 2019-nCoV en virological.org, se seleccionaron tres ensayos en base a lo bien que se ajustaban al genoma 2019nCoV (Figura 1).

De sus explicaciones se pueden extraer respuestas, conclusiones y consecuencias claras:

¿Comprobó el Prof. Drosten si las secuencias de genes, que son la base de su procedimiento de prueba y que fueron proporcionadas por virólogos chinos, son en realidad secuencias de un virus? La respuesta es no! No pudo comprobar si las secuencias proporcionadas eran de un virus, porque las dos publicaciones decisivas que describían la extracción de las secuencias de genes que utilizó no estaban disponibles para él antes de que su prueba fuera lanzada al mercado.

¿Llevó a cabo el Prof. Drosten los experimentos de control obligatorios en la ciencia para probar si las secuencias que usó realmente se originaron de un virus? ¿Llevó a cabo los experimentos de control para averiguar si las secuencias que utilizó, que atribuyó al nuevo virus, son en realidad secuencias que se

producen en cualquier metabolismo, tal vez incluso en las plantas, o que se producen de forma metabolizada en las enfermedades?

La respuesta es: No! Ni él, ni los virólogos de la CCDC, ni otros han llevado a cabo de forma demostrable estos experimentos de control necesarios hasta el día de hoy y si lo han hecho, no los han publicado. Para estos cruciales experimentos de control, deben utilizarse secuencias genéticas cortas del metabolismo de individuos sanos para secuenciarlos. Estas cortas secuencias genéticas, como las de los enfermos, deben ser ensambladas con los mismos programas informáticos para formar una larga cadena genética de un virus. Este experimento nunca se llevó a cabo o nunca se publicó. Ni siquiera se menciona este experimento de control obligatorio, que resulta de las leyes del pensamiento y la lógica de la virología - para controlar consistentemente los propios resultados. En el momento en que este experimento se lleva a cabo y se publica, la crisis del coronavirus termina inmediatamente.

El otro experimento de control resultante de la lógica científica es el ensayo intensivo, mediante el procedimiento PCR desarrollado (RT-PCR en tiempo real), con muestras clínicas de personas con enfermedades distintas de las atribuidas al virus y utilizando muestras de personas, animales y plantas sanas para comprobar si estas muestras no dan también resultados "positivos".

Estos nuevos experimentos de control, que son lógicamente necesarios para validar un procedimiento de prueba, es decir, para comprobar si es válido y tiene alguna importancia, aún no se han realizado y ni siquiera se ha afirmado que se hayan realizado. Por consiguiente, los inventores y productores de estos procedimientos de prueba se han asegurado, mediante la información apropiada en los prospectos, por ejemplo, que la prueba sólo debe utilizarse para fines de estudio y no es adecuada para fines de diagnóstico.

Puedo predecir con certeza que las personas que liberan mayores cantidades de secuencias genéticas del tipo de tejido de los epitelios escamosos, por ejemplo, los pacientes renales, darán "positivo" con la PCR desarrollada por el Prof. Drosten a más tardar cuando su cantidad de frotis se multiplique y se concentre un poco. Es muy probable que incluso todos los organismos puedan dar positivo.

Hago un llamamiento a bioquímicos, bioinformáticos, virólogos y especialistas en cultivos celulares para que lleven a cabo estos experimentos de control, los publiquen y me informen sobre ellos. He diseñado un experimento de control que excluye de entrada la excusa de que el material de muestra utilizado ha sido contaminado con el virus del SARS Cov-2 antes o durante el experimento de control.

Los costos de la realización de los experimentos de control están cubiertos si se permite que yo y observadores neutrales estemos presentes durante la realización de los experimentos de control y se documenta cada paso. Por favor, póngase en contacto con la editorial para que se ponga en contacto. Los resultados pondrán fin a la crisis del coronavirus inmediatamente. No sirve de nada si sólo presento los resultados de los experimentos de control.

¿En base a qué suposiciones, experimentos y controles puede el Prof. Drosten afirmar que su procedimiento de prueba, con el que sólo detecta áreas parciales de sólo 2 (dos) genes del genoma de un total de 10 (diez) genes del virus de la Corona, detecta un virus completo, activo y causante de enfermedad y no sólo fragmentos de un virus, después de una supuesta batalla exitosa del sistema inmunológico o debido a la presencia de numerosos virus "defectuosos", "incompletos" e "inofensivos" en nuestro material genético?

El Prof. Drosten no consideró estas preguntas lógicas en absoluto, porque no aparecen en ninguna parte de sus publicaciones y afirmaciones. La detección de sólo secuencias genéticas cortas de una cadena genética larga de un virus nunca puede probar la presencia de un virus intacto y por lo tanto reproducible. Para poder calificar de válida una prueba de PCR de este tipo, habría que realizar primero estudios cuyos resultados demuestren que la detección de secuencias genéticas cortas prueba automáticamente la presencia de una cadena genómica completa e intacta de un virus. Esos estudios lógicamente convincentes aún no se han realizado ni mencionado.

Al comienzo de la crisis del coronavirus, la principal viróloga, la Prof. Karin Mölling, una destacada experta en el campo de los virus asociados a las células, inofensivos, incompletos o defectuosos conocidos como endógenos, describió las medidas adoptadas como injustificadas. Ha demostrado en publicaciones y en un libro que la mitad del material genético de los humanos, es decir, la mitad de las secuencias, de la que están formados nuestros cromosomas, consiste en secuencias genéticas inactivas y defectuosas de virus.

Lo que no sabe, o está ocultando, es que el metabolismo produce constantemente una gran cantidad de secuencias genéticas de ARN de cualquier composición, que no aparecen en forma de secuencias de ADN en los cromosomas.

Este hecho pone en tela de juicio las afirmaciones de existencia de todos los virus ARN, como los coronavirus, el virus del Ébola, el VIH, el virus del sarampión y los virus del SARS.

Este hecho es también la base por la que con los experimentos de control se pone fin inmediatamente no sólo a la crisis del coronavirus, sino también al **miedo** y al mal manejo por parte de toda la virología de los supuestos virus de la enfermedad. Puedo asegurarle que las causas reales y los fenómenos de infección atribuidos a los virus han sido probados en el sentido "positivo" de la palabra "ciencia".